RÉSUMÉ DE THÈSE

Phylogéographie du genre *Barbus* (Téléostéens, Cyprinidae) dans les régions péri-méditerranéennes. Reconstitution des grandes lignées de migration au moyen des marqueurs nucléaires et mitochondriaux, par Constantinos S. Tsigenopoulos, Laboratoire Génome et Populations, C.N.R.S. UPR 9060, c.c. 063, Université Montpellier II, 34095 MONTPELLIER Cedex 05, France.
[tsigenopoulos@crit.univ-montp2.fr]

Thèse de Doctorat en Biologie des Populations et Ecologie, Université de Montpellier II, 1999, 190 p., 24 tabs, 30 figs, 254 refs.

Les relations phylogénétiques des espèces méditerranéennes de barbeaux (genre *Barbus sensu stricto*) ont été étudiées à l'aide des marqueurs nucléaires (allozymes) et mitochondriaux (séquences du gène du cytochrome *b*). Les résultats démontrent que les grands barbeaux fluvio-lacustres appartiennent à un groupe monophylétique, tandis que les relations entre les petites espèces rhéophiles semblent être plutôt corrélées à leur distribution géographique. Le genre *Barbus s. str.* comprend deux principales lignées: la première inclut des espèces que l'on retrouve dans les régions nord-méditerranéennes et la deuxième des espèces que l'on rencontre en Afrique du nord, en Péninsule Ibérique et au Moyen Orient. Ces lignées se sont dispersées différemment sur le continent européen, la deuxième étant fortement influencée par l'état saumâtre ou dulcicole de la Mer Méditerranéenne après son assèchement pendant la crise Messinienne (il y a 5 à 5,5 millions d'années). Une zone d'hybridation en Italie (rivière Pellice) entre les espèces *B. plebejus* et *B. caninus* a également été mise en évidence, ce qui constitue le quatrième cas d'hybridation rapporté chez les barbeaux. Enfin les relations phylogénétiques entre espèces attribuées au genre *Barbus* ont été redéfinies. Il a été démontré que le genre au sens large est polyphylétique et comprend plusieurs lignées qui correspondent souvent à des niveaux de ploïdie distincts. Les deux lignées tétraploïdes (Méditerranée et Afrique du Sud) ont une origine différente, et il ne paraît pas y avoir une évolution simple du nombre de chromosomes depuis les diploïdes jusqu'aux hexaploïdes.

Summary. - Phylogeography of species of the genus *Barbus* (Teleosts, Cyprinidae) in the Mediterranean region. Reconstitution of the major migration lineages by means of nuclear and mitochondrial genetic markers.

The phylogenetic relationships between Mediterranean *Barbus* species were assessed using either nuclear (allozymes) or mitochondrial (cytochrome *b* sequences) markers. The results show that large-sized fluvio-lacustrine barbs belong to a monophyletic group, whereas relationships among small-sized riverine species seem to be strongly correlated with their geographic distribution. The genus *Barbus s. str.* consists of two principal lineages: the first one includes species from the North-Mediterranean region, and the second one includes species from Northern Africa, Iberia and the Middle East. These lineages probably dispersed independently in the European continent, with the second one being influenced by the freshwater or oligohaline conditions of the Mediterranean Sea after the Messinian salinity crisis (some 5 to 5.5 millions years ago). The existence of a hybridization zone in Western Italy (Pellice River) between *B. plebejus* and *B. caninus* was also indicated. Therefore, there are now four known cases of hybridization in *Barbus s. str.* species. Finally, the phylogenetic relationships between species attributed to the genus *Barbus sensu lato* were investigated and it seems that this genus is polyphyletic with lots of monophyletic lineages, which often correspond to assemblages of a given ploidy level. The two tetraploid lineages (the Mediterranean and the South African) have two different origins, and it seems that there is no simple and direct increase of the chromosome number from diploids to hexaploids.

Key-words. - Cyprinidae - *Barbus* - Mediterranean - Allozymes - Cytochrome *b* - Hybridization - Ploidy - Biogeography - Phylogeny - Population Genetics.
